

อนุกรมวิธานและเมแทบอลิซึมของแบคทีเรียในน้ำเสียสายพันธุ์ที่คัดเลือกและ
โมแนสส์ส เกาหลีใต้ 2010.2

นางสาว สุชาดา จรุงเรืองโชค

วิทยานิพนธ์นี้เป็นส่วนหนึ่งของการศึกษาตามหลักสูตรปริญญาวิทยาศาสตรดุษฎีบัณฑิต

สาขาวิชาเภสัชเคมีและผลิตภัณฑ์ธรรมชาติ
คณะเภสัชศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

ปีการศึกษา 2547

ISBN 974-53-1231-2

ลิขสิทธิ์ของจุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

TAXONOMY AND SECONDARY METABOLITES OF SELECTED ACTINOMYCETE
STRAINS AND *MONASCUS KAOLIANG* KB20M10.2

Miss Suchada Jongrungruangchok

A Dissertation Submitted in Partial Fulfillment of the Requirements
for the Degree of Doctor of Philosophy in Pharmaceutical Chemistry and Natural Products

Faculty of Pharmaceutical Sciences

Chulalongkorn University

Academic year 2004

ISBN 974-53-1231-2

สุชาติ จรุงเรืองโชค : อนุกรมวิธานและเมแทบอลิไทท์ทุติยภูมิของแอคติโนมัยซีทสายพันธุ์ที่คัด
เลือกและโมแนสคัส เกาหลีเชิง เคบี20เอ็ม10.2. (TAXONOMY AND SECONDARY
METABOLITES OF SELECTED ACTINOMYCETE STRAINS AND *MONASCUS*
KAOLIANG KB20M 10.2) อาจารย์ที่ปรึกษา: รศ.ดร.สมบูรณ์ ธนาสุภวัฒน์, อาจารย์ที่ปรึกษาร่วม:
รศ.ดร.รพีพล ภาโวาท, 216 หน้า. ISBN 974-53-1231-2.

ในการศึกษาเพื่อคัดเลือกเชื้อแอคติโนมัยซีทที่สามารถผลิตสารทุติยภูมิและการศึกษาอนุกรมวิธานของเชื้อ พบว่า
เชื้อ 12 ไอโซเลตมีฤทธิ์ต้านจุลชีพ และสามารถพิสูจน์เอกลักษณ์ของเชื้อ PNK1-3, PNK1-5, TT2-9 และ KN-6 เป็น
แบคทีเรียในสกุล สเตรปโตมัยซีต FLM-2 เป็น คีตาสโตสปอรา MA-1, MA-2, JSM1-1, JSM1-3, MC5-1, MC7-1 และ R1-
1 เป็นไมโครโมโนสปอราโดยใช้ผลการศึกษาลักษณะทางฟีโนไทป์และลักษณะทางอนุกรมวิธานเคมีรวมทั้งการวิเคราะห์
ลำดับเบสในช่วง 16S rDNA พบว่าเชื้อเหล่านี้มี phospholipids ชนิด phosphatidylethanolamine เป็นองค์ประกอบหลัก รวม
ทั้งมีกรดไขมันส่วนใหญ่แบบ iso-C_{16:0}, iso-C_{15:0}, iso-C_{17:0}, anteiso-C_{16:0}, anteiso-C_{15:0} และ anteiso-C_{17:0} และมี
menaquinones ชนิด MK-9(H₄), MK-9(H₆) หรือ MK-10(H₄) นอกจากนี้พบว่ามียีน G+C ของสาย DNA อยู่ในช่วง 71-
73 mol% สเตรปโตมัยซีต คีตาสโตสปอรา และ ไมโครโมโนสปอรา มีกรด LL, LL และ meso-diaminopimelic และ meso-
diaminopimelic ในผนังเซลล์ตามลำดับ ไมโครโมโนสปอรามีน้ำตาล xylose และ arabinose เป็นส่วนประกอบของผนัง
เซลล์ จากผลความคล้ายคลึงของลำดับเบสในช่วง 16S rDNA (99.9%) สามารถพิสูจน์ว่า PNK1-3 เป็น *S. hygrosopicus*
ขณะที่ FLM-2 มีความคล้ายคลึงของลำดับเบสในช่วง 16S rDNA (97.1%) ใกล้เคียงกับ *K. melanogena* จากผลของความ
คล้ายคลึงทาง DNA และลักษณะทางฟีโนไทป์สามารถแบ่งแยกเชื้อไมโครโมโนสปอรา 7 สายพันธุ์เป็น 3 กลุ่ม และแสดง
ผลของความคล้ายคลึงทาง DNA ในระดับต่ำ (28.7-43.1%) และลำดับเบสในช่วง 16S rDNA (97.5-99.3%) รวมทั้งมี
ลักษณะทางฟีโนไทป์แตกต่างไปจากเชื้อไมโครโมโนสปอราที่เคยมีรายงานไว้ จึงสามารถจัดเป็นเชื้อชนิดใหม่ และได้
เสนอชื่อสำหรับเชื้อกลุ่มที่ 1 (2 สายพันธุ์) เป็น *Micromonospora krabiensis* กลุ่มที่ 2 (2 สายพันธุ์) เป็น *Micromonospora*
marinus และกลุ่มที่ 3 (3 สายพันธุ์) เป็น *Micromonospora chaiyaphumensis* ตามลำดับ จากการศึกษาสารทุติยภูมิของเชื้อที่
คัดเลือกสายพันธุ์ PNK1-3 พบว่าสามารถแยกสังเคราะห์ด้วยเอซิลอะซิเตทจากน้ำหมักเชื้อซึ่งแสดงฤทธิ์ต้านเชื้อจุลินทรีย์อย่าง
มีนัยสำคัญ ได้สารในกลุ่ม ansamycin 1 ชนิด คือ geldanamycin แสดงฤทธิ์ทางชีวภาพได้แก่ ฤทธิ์ต้านเชื้อรา (*Candida*
albicans ATCC 10231) เชื้อมาลาเรีย (*Plasmodium falciparum*) เชื้อวัณโรค (*Mycobacterium tuberculosis*) ฤทธิ์ความเป็นพิษ
ต่อ human epidermoid และ breast cancer cell lines

จากการศึกษาสารทุติยภูมิของเชื้อกลายพันธุ์ *Monascus kaoliang* KB20M10.2 ที่เจริญบนข้าว พบว่าสามารถ
แยกสังเคราะห์ด้วยไดคลอโรมีเทนได้สารใหม่กลุ่ม azaphilones 2 ชนิด คือ monascusone A (6,7-dihydroxy-3-(2-
hydroxypropyl)-7- methyl-1,5,6,7-tetrahydroisochromen-8-one) และ monascusone B และสาร azaphilones ที่เคยมีราย
งาน 2 ชนิด monascin A และ FK17-P2b2 การพิสูจน์โครงสร้างทางเคมีของสารเหล่านี้ใช้วิธีการวิเคราะห์ข้อมูล UV, IR,
MS และ NMR spectroscopy สาร monascusone A นี้ ไม่แสดงฤทธิ์ต้านเชื้อจุลินทรีย์ทดสอบ

สาขาวิชา ภาสัชเคมีและผลิตภัณฑ์ธรรมชาติ
ปีการศึกษา 2547

ลายมือชื่อนิสิต..... สุชาติ จรุงเรืองโชค
ลายมือชื่ออาจารย์ที่ปรึกษา.....
ลายมือชื่ออาจารย์ที่ปรึกษาร่วม.....

44769708 33 MAJOR: PHARMACEUTICAL CHEMISTRY AND NATURAL PRODUCTS

KEY WORDS: ACTINOMYCETES / *MICROMONOSPORA* / *MONASCUS* / ANSAMYCIN / AZAPHILONE

SUCHADA JONGRUNGRUANGCHOK: TAXONOMY AND SECONDARY METABOLITES OF
SELECTED ACTINOMYCETE STRAINS AND *MONASCUS KAOLIANG* KB20M10.2. THESIS
ADVISOR: ASSOC. PROF. SOMBOON TANASUPAWAT Ph.D., THESIS COADVISOR:
ASSOC. PROF. RAPEPOL BAVOVADA. Ph.D., 216 pp. ISBN 974-53-1231-2.

In the course of our investigation for bioactive metabolites and taxonomy of 12 actinomycete strains isolated from soils, all possessed antimicrobial activities, PNK1-3, PNK1-5, TT2-9, KN-6 were identified as *Streptomyces*; FLM-2 as *Kitasatospora*; and MA-1, MA-2, JSM1-1, JSM1-3, MC5-1, MC7-1 and R1-1 as *Micromonospora* based on the phenotypic and chemotaxonomic characteristics including the phylogenetic analysis using 16S rDNA sequences. The tested strains contained phosphatidylethanolamine as characteristic phospholipids (type II); iso-C_{16:0}, iso-C_{15:0}, iso-C_{17:0}, anteiso-C_{16:0}, anteiso-C_{15:0} and anteiso-C_{17:0} as major fatty acids; and MK-9(H₄), MK-9(H₆), or MK-10(H₄) as major menaquinones. The range of G+C content of the DNA was 71-73 mol%. *Streptomyces*, *Kitasatospora*, and *Micromonospora* are LL, LL and meso, and meso-diaminopimelic acid in cell wall, respectively. Whole-cell sugar of *Micromonospora* contained xylose and arabinose (pattern D). The potent selected strain, PNK1-3 was identified as *S. hygroscopicus* (99.9% 16S rDNA similarity), while FLM-2 was closed to *K. melanogena* (97.1% 16S rDNA similarity). On the basis of DNA-DNA similarity and phenotypic characteristics, 7 strains of *Micromonospora* could be separated into three groups. A low level of DNA-DNA similarity (28.7-43.1%) and 16S rDNA similarity (97.5-99.3%) including the phenotypic characteristics indicated that these strains were distinguished from all of validly described *Micromonospora* species. The names *Micromonospora krabiensis* sp. nov., *Micromonospora marinus* sp. nov and *Micromonospora chaiyaphumensis* sp. nov. are proposed for Group I (2 strains), Group II (2 strains) and Group III (3 strains), respectively. PNK1-3 was selected for secondary metabolite production and elucidated chemical structure. The ETOAc extract from fermentation broth yielded known ansamycin, geldanamycin which exhibited antifungal activity (*Candida albicans* ATCC10231), antimalarial (*Plasmodium falciparum*), antituberculosis activity (*Mycobacterium tuberculosis*), cytotoxicity activity against human epidermoid and breast cancer cell lines.

For exploration the secondary metabolites of a yellow mutant *Monascus kaoliang* KB20M10.2 grown on rice, CH₂Cl₂ extract yielded two new azaphilone pigments, monascusone A (6,7-dihydroxy-3(2-hydroxypropyl)-7-methyl-1,5,6,7-tetrahydroisochromen-8-one) and monascusone B, together with two known azaphilones, monascin A and FK17-P2b2. Structures of isolated compounds were elucidated through extensive analyses of their UV, IR, MS, and NMR spectroscopic data. Monascusone A showed no antimicrobial activity.

Field of study Pharmaceutical Chemistry

and Natural products

Academic year 2004

Student's signature..... *Srd. jongrungruangchok*

Advisor's signature..... *Somboon Tanasupawat*

Co-advisor's signature..... *Rapepol Bavovada*

CONTENTS

	Page
ABSTRACT (Thai).....	iv
ABSTRACT (ENGLISH).....	v
ACKNOWLEDGEMENTS.....	vi
CONTENTS.....	vii
LIST OF TABLES.....	xi
LIST OF FIGURES.....	xiii
LIST OF SCHEMES.....	xvii
LIST OF ABBREVIATIONS AND SYMBOLS.....	xviii
CHAPTER	
I INTRODUCTION	1
II HISTORICAL	
1. Actinomycetes.....	3
1.1 <i>Streptomyces</i>	4
1.1.1 Characteristics of <i>Streptomyces</i>	4
1.2 <i>Kitasatospora</i>	7
1.2.1 Characteristics of <i>Kitasatospora</i>	7
1.3 <i>Micromonospora</i>	7
1.3.1 Characteristics of <i>Micromonospora</i>	8
2. Antibiotics from <i>Streptomyces</i>	9
3. <i>Monascus</i>	12
3.1 Characteristics of <i>Monascus</i>	12
3.2 Strain improvement.....	13
3.3 Secondary metabolites from <i>Monascus</i>	13
3.4 Biological activity and application.....	20
III EXPERIMENTAL	
1. Microbial strains.....	21
2. Preliminary antimicrobial activity screening of isolates.....	23
3. Identification methods.....	23
3.1 Morphological and cultural characteristics.....	23
3.2 Physiological and Biochemical characteristics.....	24

3.2.1 Carbon utilization.....	24
3.2.2 Starch hydrolysis.....	25
3.2.3 Gelatin liquefaction.....	25
3.2.4 Nitrate reduction.....	25
3.2.5 Milk coagulation and milk peptonization.....	25
3.2.6 NaCl tolerance.....	25
3.2.7 Temperature tolerance.....	26
3.2.8 pH tolerance.....	26
3.3 Chemotaxonomic studies.....	26
3.3.1 Cell wall acyl type.....	26
3.3.2 Whole-cell sugar analysis.....	26
3.3.3 Diaminopimelic acid analysis.....	26
3.3.4 Amino acid composition of peptidoglycan.....	26
3.3.5 Cellular fatty acid analysis.....	27
3.3.6 Polar lipid analysis.....	27
3.3.7 Mycolic acid analysis.....	28
3.3.8 Menaquinone analysis.....	28
3.3.9 Analysis of DNA base composition.....	29
3.4 DNA-DNA hybridization.....	29
3.4.1 DNA labeling probe with photobiotin.....	29
3.4.2 Photobiotin labeling DNA-DNA hybridization	30
3.4.3 Detection of biotin-containing hybrids	30
3.5 16S rDNA analysis	30
3.5.1 16S rDNA amplification by PCR	31
3.5.2 16S rDNA sequencing	31
3.5.3 16S rDNA sequence analysis and phylogenetic tree construction	31
4. Fermentation of the selected strain for antibiotic production	32
5. Chromatographic technique	32
5.1 Analytical thin-layer chromatography	32
5.2 Column chromatography	32

5.2.1 Flash column chromatography	32
5.2.1 Gel filtration chromatography	33
6. Spectroscopy	33
6.1 Ultraviolet (UV) absorption spectroscopy	33
6.2 Infrared (IR) absorption spectroscopy.....	33
6.3 Mass spectrometry	33
6.4 Proton and Carbon nuclear magnetic resonance (^1H and ^{13}C NMR spectroscopy)	33
6.5 Optical rotation	34
7. Solvents	34
8. Bioassay.....	34
8.1 Antimalarial activity	34
8.2 Cytotoxic activity	34
8.3 Antitubercular activity	35
9. Extraction and isolation of compound from PNK1-3	36
10. Extraction and isolation of compounds from <i>M. kaoliang</i>	37
IV RESULTS AND DISCUSSION	
1. Preliminary bioactivity screening.....	39
2. Morphological and cultural characteristic of the isolates	40
3. Physiological and biochemical characteristics	50
4. Chemotaxonomic characteristics of <i>actinomycetes</i>	53
5. 16S rDNA amplification and nucleotide sequence analysis	62
5.1 16S rDNA sequencing.....	62
5.2 16S rDNA sequencing and phylogenetic tree analysis.....	62
6. Comparison of DNA-DNA s of the reprimilarity of selective strains.....	64
7. Characteristics of one known <i>Streptomyces</i> , one <i>Kitasatospora</i> species and three novel <i>Micromonospora</i> species	65
7.1 Characteristics of <i>Streptomyces</i> PNK1-3	65
7.2 Characteristics of <i>Kitasatospora</i> FLM-2.....	65
7.3 Characteristics of three novel <i>Micromonospora</i>	66

	Page
8. Structure elucidation of compounds from PNK1-3 and <i>M. kaoliang</i>	69
8.1 Structure elucidation of compound PNK01	69
8.2 Structure elucidation of Ang01.....	72
8.3 Structure elucidation of Ang02.....	76
8.4 Structure elucidation of Ang03.....	78
8.5 Structure elucidation of Ang04.....	81
9. Physical and spectral data of isolated compounds	83
11.1 PNK01.....	83
11.2 Ang01.....	84
11.3 Ang02.....	84
11.4 Ang03.....	85
11.5 Ang04.....	85
V CONCLUSION	86
REFERENCES	89
APPENDICES	100
VITA	216

LIST OF TABLES

TABLE	Page
1. Cell wall chemotypes of the actinomycetes	5
2. Whole-organism sugar pattern of the actinomycetes containing diaminopimelic acid (chemotypes II-IV)	6
3. Phospholipid types in actinomycetes	6
4. Sources and biological activity of ansamycins.....	10
5. Sources, locations and isolate numbers of strains from soils	21
6. Sources of the validly described <i>Micromonospora</i> species	22
7. Antimicrobial activity of strains	39
8. Biological activity of strains	40
9. Cultural characteristics of the isolates	41
10. Carbon utilization of the isolates	51
11. The physiological and biochemical characteristics of the isolates	52
12. Diaminopimelic acid types of actinomycetes strains	54
13. Polar lipid composition and glycolic analysis of actinomycetes strains.....	54
14. Fatty acid compositions of actinomycetes strains.	55
15. Menaquinone types of actinomycetes strains	58
16. Whole-cell sugar of the actinomycetes strains	59
17. DNA-DNA similarity among the <i>Micromonospora</i> group I and II	64
18. DNA-DNA similarity among the <i>Micromonospora</i> group III.....	64
19. Differential characterization of representative strains and all type strains of <i>Micromonospora</i>	68
20. Comparison of ^1H and ^{13}C NMR spectral data of compound PNK01 with that of geldanamycin (Omura <i>et al.</i> , 1979) in DMSO- d_6	71
21. The ^1H (400 MHz) and ^{13}C -NMR (100 MHz) spectral data for compound Ang01 in CDCl_3	74
22. The ^1H (400 MHz) and ^{13}C -NMR (100 MHz) spectral data for compound Ang02 in CDCl_3	77

TABLE**Page**

23. The ^1H (400 MHz) and ^{13}C -NMR (100 MHz) spectral data for compound Ang03 in CDCl_3	80
24. The ^1H (400 MHz) and ^{13}C -NMR (100 MHz) spectral data for compound Ang04 in CDCl_3	82

LIST OF FIGURES

Figure	Page
1. The colonial appearance and scanning electron micrograph of PNK1-3 on YMA medium (21 days)	45
2. The colonial appearance and scanning electron micrograph of FLM-2 on YMA medium (21 days)	46
3. The colonial appearance and scanning electron micrograph of MA-2 on YMA medium (21 days)	47
4. The colonial appearance and scanning electron micrograph of JSM1-1 on YMA medium (21 days)	48
5. The colonial appearance and scanning electron micrograph of MC5-1 on YMA medium (21 days)	49
6. Unroot neighbor-joining tree base on nearly complete 16S rDNA sequences, showing the position of the PNK1-3, PNK1-5, KN-6, TT2-9 and FLM-2	60
7. Unroot neighbor-joining tree base on nearly complete 16S rDNA sequences, showing the position of the <i>Micromonospora</i> strains	60
8. The PCR amplified 16S rDNA Nucleotide sequences of PNK1-3	61
9. The PCR amplified 16S rDNA Nucleotide sequences of PNK1-5	115
10. The PCR amplified 16S rDNA Nucleotide sequences of TT2-9	115
11. The PCR amplified 16S rDNA Nucleotide sequences of KN6	116
12. The PCR amplified 16S rDNA Nucleotide sequences of FLM-2	116
13. The PCR amplified 16S rDNA Nucleotide sequences of MA-1... ..	117
14. The PCR amplified 16S rDNA Nucleotide sequences of MA-2.....	117
15. The PCR amplified 16S rDNA Nucleotide sequences of JSM1-1.....	118
16. The PCR amplified 16S rDNA Nucleotide sequences of JSM1-3.....	118
17. The PCR amplified 16S rDNA Nucleotide sequences of MC5-1	119
18. The PCR amplified 16S rDNA Nucleotide sequences of MC7-1	119
19. The PCR amplified 16S rDNA Nucleotide sequences of R1-1	120
20. Comparison of 16S rDNA nucleotide sequences between the strains PNK1-3, PNK1-5, TT2-9, KN-6, FLM-2 strains and the validly described <i>Streptomyces</i> and	120

Figure

Page

<i>Kitasatospora</i>	121
21. Comparison of 16S rDNA nucleotide sequences between the <i>Micromonospora</i> strains and the validly described <i>Micromonospora</i> species.....	152
22. UV spectrum of PNK01.....	182
23. IR spectrum of PNK01.....	182
24. Mass spectrum of PNK01.....	183
25. 500 MHz ¹ H-NMR (DMSO- d ₆) spectrum of PNK01.....	183
26. Expansion of Fig. 25	184
27. Expansion of Fig. 25	184
28. ¹³ C NMR (DMSO- d ₆) and DEPT spectra of PNK01.....	185
29. HMQC spectrum of PNK01.....	185
30. HMQC spectrum of PNK01.....	186
31. ¹ H- ¹ H COSY spectrum of PNK01.....	186
32. Expansion of Fig. 31	187
33. Long range of ¹ H- ¹³ C correlations (HMBC) spectrum of PNK01.....	187
34. NOESY spectrum of PNK01.....	188
35. UV spectrum of Ang01.....	189
36. IR spectrum of Ang01.....	189
37. Mass spectrum of Ang01.....	190
38. 400 MHz ¹ H-NMR spectrum of Ang01.....	190
39. Expansion of Fig. 38	191
40. ¹³ C NMR and DEPT spectra of Ang01.....	191
41. HMQC spectrum of Ang01.....	192
42. ¹ H- ¹ H COSY spectrum of Ang01.....	192
43. Expansion of Fig. 42	193
44. Expansion of Fig. 42	193
45. Expansion of Fig. 42	194
46. Long range of ¹ H- ¹³ C correlations (HMBC) spectrum of Ang01.....	194
47. Δδ values [δ ₍₋₎ -δ ₍₊₎] for the MTPA ester (Ang01a and Ang01b) of Ang01.....	78
48. Possible biosynthetic pathway of azaphilone pigment Ang01-Ang04 by the fungus <i>M.kaoliang</i>	79

Figure	Page
49. Expansion of Fig. 46	195
50. Expansion of Fig. 46	195
51. Expansion of Fig. 46	196
52. Expansion of Fig. 46	196
53. NOESY spectrum of Ang01	197
54. Expansion of Fig. 53	197
55. UV spectrum of Ang02	198
56. IR spectrum of Ang02	198
57. Mass spectrum of Ang02	199
58. 500 MHz ^1H -NMR spectrum of Ang02	199
59. Expansion of Fig. 57	200
60. ^{13}C NMR and DEPT spectra of Ang02	200
61. HMQC spectrum of Ang02	201
62. ^1H - ^1H COSY spectrum of Ang02	201
63. Expansion of Fig. 61	202
64. Long range of ^1H - ^{13}C correlations (HMBC) spectrum of Ang02	202
65. Expansion of Fig. 64	203
66. Expansion of Fig. 64	203
67. NOESY spectrum of Ang02	204
68. Expansion of Fig. 67	204
69. Expansion of Fig. 67	205
70. UV spectrum of Ang03	206
71. Mass spectrum of Ang03	206
72. 500 MHz ^1H -NMR spectrum of Ang03	207
73. Expansion of Fig. 72	207
74. ^{13}C NMR and DEPT spectra of Ang03	208
75. HMQC spectrum of Ang03	208
76. ^1H - ^1H COSY spectrum of Ang03	209
77. Long range of ^1H - ^{13}C correlations (HMBC) spectrum of Ang03	209

Figure	Page
78. NOESY spectrum of Ang03.....	210
79. UV spectrum of Ang04.....	211
80. IR spectrum of Ang04.....	211
81. Mass spectrum of Ang04.....	212
82. 500 MHz ^1H -NMR spectrum of Ang04.....	212
83. ^{13}C NMR and DEPT spectra of Ang04.....	213
84. HMQC spectrum of Ang04.....	213
85. ^1H - ^1H COSY spectrum of Ang04.....	214
86. Long range of ^1H - ^{13}C correlations (HMBC) spectrum of Ang04.....	214
87. NOESY spectrum of Ang04.....	215

LIST OF SCHEMS

Scheme	Page
1. Extraction of YM fermentation broth of the strain PNK1-3.....	37
2. Extraction of CH ₂ Cl ₂ extract of <i>M. kaoliang</i> KB20M10.2 on rice....	38

LIST OF ABBREVIATIONS AND SYMBOLS

$[\alpha]^{28}_D$	=	Specific rotation at 28° and sodium D line (589 nm)
α	=	Alpha
Ala	=	Alanine
Ara	=	Arabinose
ATCC	=	American Type Culture Collection, Maryland, U.S.A.
Ba(OH) ₂	=	Barium hydroxide
BC	=	Breast cancer cell line
°C	=	Degree Celsius
¹³ C-NMR	=	Carbon-13 nuclear magnetic resonance
CDCl ₃	=	Deuterated chloroform
CFU	=	Colony forming unit
CHCl ₃	=	Chloroform
cm	=	Centimeter
COSY	=	Correlation spectroscopy
Cz. Sucrose	=	Czapek's sucrose
δ	=	Chemical shift
<i>d</i>	=	Doublet
DDBJ	=	DNA Data Bank of Japan
DEPT	=	Distortionless enhancement by polarization transfer
DMF	=	Dimethyl formamide
DMSO- <i>d</i> ₆	=	Deuterated dimethylsulphoxide
DON	=	2,7-dihydroxynaphthalene
DPG	=	Diphosphatidylglycerol
DSMZ	=	Deutsche Sammlung von Mikroorganismen and Zellkulturen GmbH
EDTA	=	Disodiummethylenediamine tetraacetate
EMBL	=	European Molecular Biology Laboratory
ESI-TOF-MS	=	Electrospray Ionization-Time of Flight Mass Spectrometry
EtOAc	=	Ethyl acetate
ϵ	=	Molar absorptivity

g	=	Gram
G	=	<i>N</i> -acetylglucosamine
Gal	=	Galactose
GC	=	Gas chromatography
GenBank	=	National Institute of Health genetic sequence database
Glu	=	Glutamic acid
GluNu	=	Phospholipids of unknown structure containing glucosamine
Gly	=	Glycerine
h	=	Hour
HCl	=	Hydrochloric acid
HMBC	=	¹ H-detected heteronuclear multiple bond correlation
HMQC	=	¹ H-detected heteronuclear multiple quantum coherence
¹ H-NMR	=	Proton nuclear magnetic resonance
HPLC	=	High performance liquid chromatography
HPTLC	=	High performance thin layer chromatography
H ₂ O	=	Water
H ₂ SO ₄	=	Sulfuric acid
Hz	=	Hertz
IC ₅₀	=	Inhibition concentration
IR	=	Infrared
ISP	=	International <i>Streptomyces</i> Project
<i>J</i>	=	Coupling constant
JCM	=	Japan Collection of Microorganisms
KB	=	A human epidermoid carcinoma cell line of the nasopharynx
KNO ₃	=	Potassium nitrate
KOH	=	Potassium hydroxide
L	=	Liter
L-DA	=	L-diamino acid
Lyso-PE	=	Lyso-phosphatidylethanolamine
<i>m</i>	=	Multiplet
mm ³	=	Cubic meter
M	=	Molar

[M+H] ⁺	=	Protonated molecular ion
MeCN	=	Methyl cyanide
MEGA	=	Molecular Evolutionary Genetics Analysis
MeOH	=	Methanol
<i>meso</i> -DAP	=	<i>meso</i> -Diaminopimelic acid
Methyl-PE	=	methyl-Phosphatidylethanolamine
μg	=	Microgram
mg	=	Milligram
MgCl ₂	=	Magnesium chloride
MHA	=	Mueller-hinton agar
MHz	=	Mega hertz
MK	=	Menaquinone
μl	=	Microliter
ml	=	Milliliter
μm	=	Micrometer
mm	=	Millimeter
MS	=	Mass spectroscopy
NaCl	=	Sodium chloride
NaOH	=	Sodium hydroxide
N ₂ gas	=	Nitrogen gas
nm	=	Nanometer
NMR	=	Nuclear magnetic resonance
NOESY	=	Nuclear overhauser effect correlation spectroscopy
NSS	=	Normal saline solution
nt	=	Nucleotide
OH-PE	=	Hydroxyl-phosphatidylethanolamine
PBS	=	Phosphate buffer saline
PC	=	Phosphatidylcholine
PCR	=	Polymerase chain reaction
Pd	=	Palladium
PE	=	Phosphatidylethanolamine
PG	=	Phosphatidylglycerol

PI	=	Phosphatidylinositol
PIMs	=	Phosphatidylinostolmannoside
PME	=	Phosphatidyl- <i>N</i> -methylethylethanolamine
ppm	=	Part per million
rDNA	=	Ribosomal deoxynucleic acid
rRNA	=	Ribosomal ribonucleic acid
rpm	=	Round per minute
<i>s</i>	=	Singlet
SCA	=	Starch caseinate agar
SDA	=	Sabouraud's dextrose agar
sec	=	Second
Si Gel	=	Silica gel
sp.	=	Species
SSC	=	Standard sodium citrate
<i>t</i>	=	Triplet
TAE	=	Tris-acetate
TBE	=	Tris-borate
TCA	=	Trichloroacetic acid
UV	=	Ultraviolet
Vero cell line	=	African monkey kidney cell line
Xyl	=	Xylose